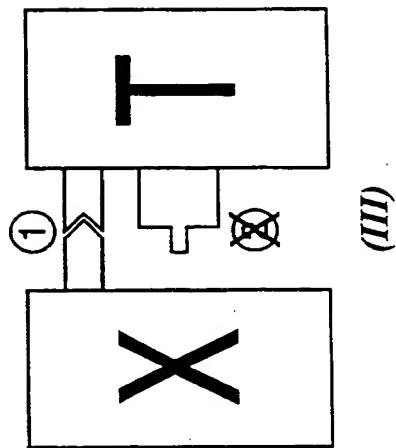
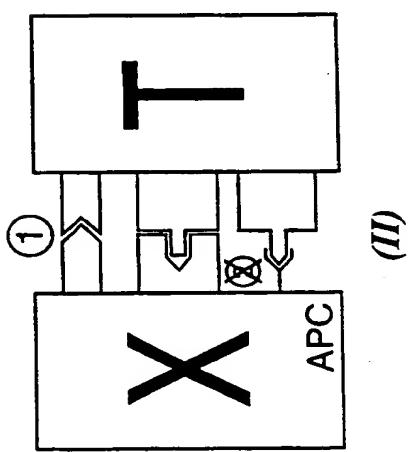
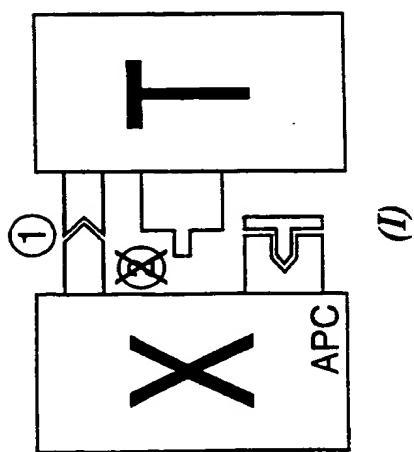
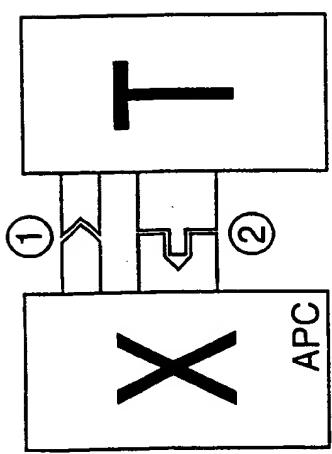


FIG. 1



□ MHC + xenoantigen  
□ TCR

□ CTLA-4  
□ CD28  
□ B7  
□ Soluble CTLA-4  
└ anti-CTLA-4

2/18

## FIG. 2

-30	-20	-10	1	11	21
MACSGFRSHG	AWLELTTSRTW	PCTALFSLLF	IPVFSKGMHV	AQPAVVLANS	RGVASFVCEY
•••L••QR•K	•Q•N•AA•••	•••L••F•••	•••C•A•••	•••••S•	••I•••••••
••••••Q•••	T•W-	-•••••	•••••F•V•	•••••N•	•••••S•••
			*		
31	41	51	61	71	81
GSAGKAAEVR	VTVLRRAGSQ	MTEVCAATYT	VEDELTFLDD	STCTGTSTEN	KVNLTIQGLR
A•P•••T•••	•••••Q•D••	V••••••••M	MGN•••••••	•I•••••SG•	Q•••••••••
E•S•••D•••	•••••E••••	V•••••G•M	•••••••••	•••I•••RG•	•••••••••
			*		
91	101	111	121	131	141
AVDTGLYICK	VELLYPPPY	VGMGNGTQIY	VIDPEPCPDS	DFLLWILAAV	SSGLEFFYSEL
•M•••••••	••••MYPYPYY	L•I•••A•••	•••••••••	•••••••••	•••••••••
•M•••••V•••	••••MYPYPYY	••I•••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••
			*		
151	161	171	181		
ITAVSLSKML	KKRSPLTTGV	YVKMPPTEP	CEKQFQPYFI	PIN	SEQ ID:1 (pCTLA4)
L•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••	Human CTLA4
•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••	Cattle CTLA4
			*		

3/18

## FIG. 3

1	11	21	31	41	51
ATGGCTTGCT	CTGGATTCCG	GAGCCATGGG	GCTTGCTGG	AGCTTACTTC	TAGGACCTGG
••••••••C	T••••••T•A	•C•G••CAA•	•••CA•••A	•C••GG••G•	C••••••••
••••••••	•••••••A	•••T•••••	A•••••••	•••A•••	••••••••
61	71	81	91	101	111
CCCTGTACAG	CTCTGTTTC	TCTTCTCTTC	ATCCCCTGTCT	TCTCCAAAGG	GATGCCACGTTG
•••••C••TC	TC••••••T	••••••••T	•••••••••	••••G••••C	A••••••••
•••••C••T•	•C••A•••T	••••G••••	••••••T•	••••T••••	••••A•T•••
121	131	141	151	161	171
GCCCAACCTG	CAGTAGTGT	GGCCAACAGC	GGGGGTGTTG	CCAGCTTGT	GTGTGAGTAT
•••••G••••	•T••G••A••	••••G••••	••A••CA•C•	••••••••	••••••••
A••••G•••C	••••G••••	•••T•G••••	••••••••	••••••CTC	A•••••A•••
§	191	201	211	221	231
GGGTCTGCAG	GCAAAGCTGC	CGAGGTCCGG	GTGACAGTGC	TGGGGGGCC	CGGCAGGCCAG
•CA•••C•••	••••••CA•	T••••••	••••••••	•T••••A•••	T•A•••••
•A••••T•••	••••••A	••••••	••••••••	••••GA•••	A•••••••
241	251	261	271	281	291
ATGACTGAAG	TCTGTGCCG	GACATATACT	GTGGAGGATG	AGTTGACCTT	CCTTGATGAC
•G••••••••	••••••G••	A••C••C•TG	A•••G•A•••	••••••••	•••A•••••T
•G••••C••••	••••••T•G	•••C••C•TG	••••••••	••C•A••••	•••G•••••T
301	311	321	331	341	351
TCTACATGCA	CTGGCACCTC	CACCGAAAAAC	AAAGTGAACC	TCACCATCCA	AGGGCTGAGA
••C•TC••••	•G••••••	•GT•G•••T	C••••••••	••••T•••••	•••A•••••G

4/18

361	371	381	391	401	411
GGCGTGGACA	CTGGGCTCTA	CATCTGCAAG	GTGGAGCTCC	TGTACCCACC	ACCCTACTAT
•••A•••••	•G••A•••••	•••••••••	•••••••A	•••••••A	•G••A••••C
•••A•••••	•••••••••	TG•••••A	•••••••A	•••••••G••	G•••••••C
-----					
421	431	441	451	461	471
GTGGGTATGG	GCAAACGGGAC	CCAGGATTAT	GTCATTGATC	CAGAACCATG	CCCAGAGATTCT
••••C••A•	••••••AG•	•••••••••	••A•••••••	•••••••G••	•••••••••
•••••C••C•	••••T••A••	•••••••C	•••••••••	•••••••••	•••G•••••
-----					
481	491	501	511	521	531
GATTCTCTGC	TCTGGATCCCT	GGCAGGCAGTT	AGTTCAAGGGT	TGTTTTTTTA	CAGCTTCCTC
••C••••C•	•••••••••	T••••••••	•••••G••••	•••••••••	T•••••T•••
•••••T••C•	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••
+					
541	551	561	571	581	591
ATCACAGCTG	TTTCTTTGAG	CAAAATGCTA	AAGAAAAGAA	GTCCCTCTTAC	TACAGGGGTG
•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•C•••••••	A••••••••
•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•C•••••••	•••••••••
*					
601	611	621	631	641	651
TATGTGAAAA	TGCCCGGAC	AGAGCCAGAA	TGTGAAAAGC	AATTTCAGCC	TTATTTTATT
•••••••••	•••••A•••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••
•••••••••	•••••A•••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••
-----					
661	671				
CCCATCAATT	GA				
•••••••••	••				
•••••••••	••				

SEQ ID: 2 (PCTLA4)  
 Human CTLA4  
 Cattle CTLA4

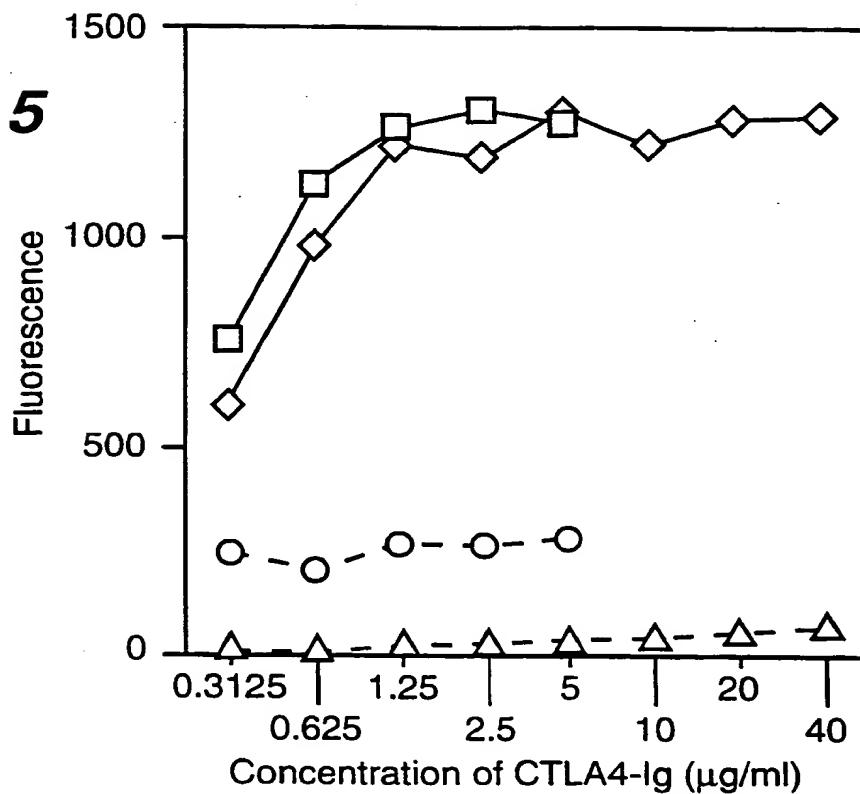
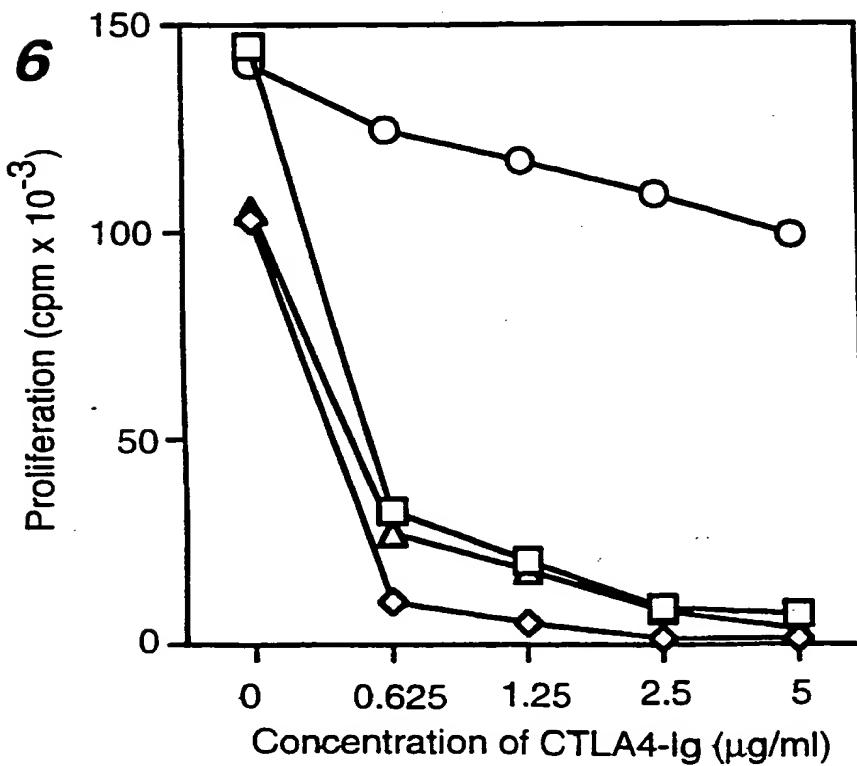
**FIG. 3 (CONT'D.)**

5/18

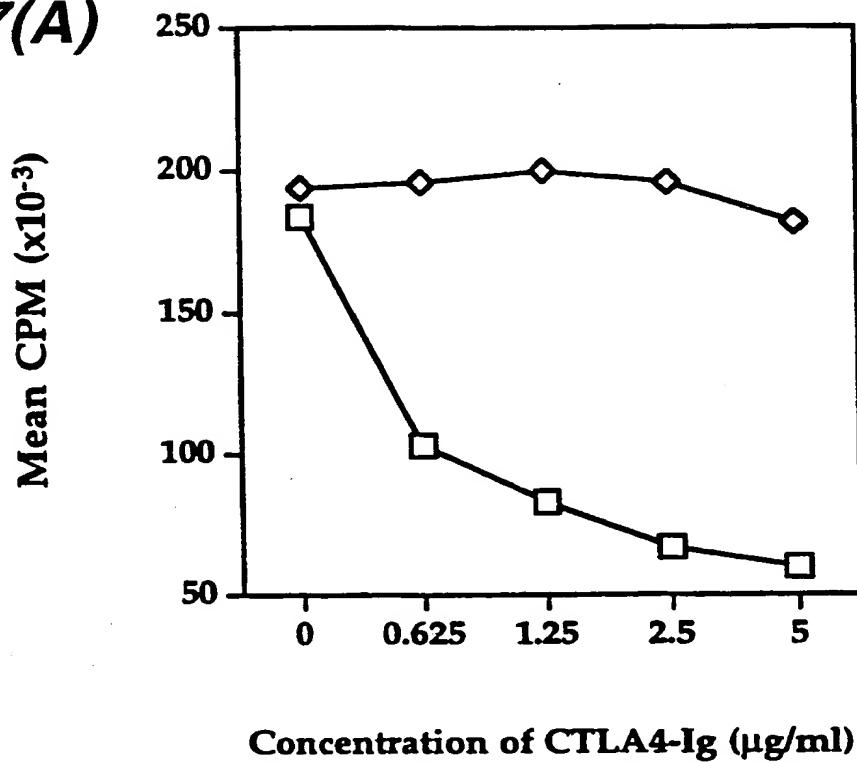
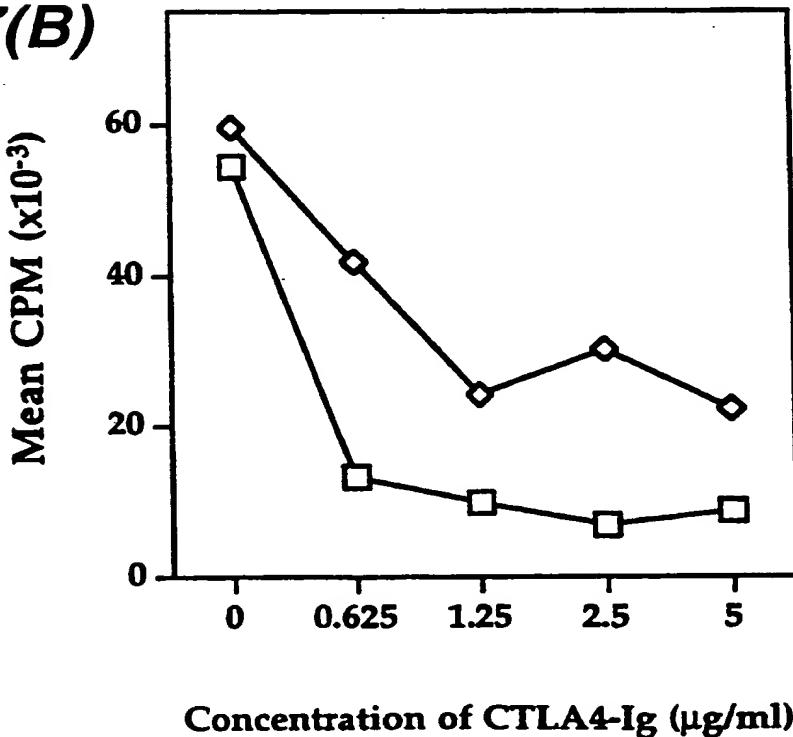
**FIG. 4**

- 30	- 20	- 10	1	11	21
MACSGGFRSHG	AWLELTSRW	PCTALFSSLF	IPVFSKGMHV	AQPAVVLANS	RGVASFVCEY
31	41	51	61	71	81
GSAGKAAEVR	VTVLRRAGSQ	MTEVCAATYR	VEDELTFLDD	STCTGTSTEN	KVNLTIQGLR
91	101	111	121	131	141
AVDTGLYICK	VELLYPPYY	VGMGNGTQIY	VIDPEPCPDS	DGGSGGAAEP	KSCDKTKHTCP
151	161	171	181	191	201
PCPAPELLGG	PSVFLFPPKP	KDTLMISRTP	EVTCAVVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA
211	221	231	241	251	261
KTKPREEQYN	STYRvvvsvLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	LPAPIEKTIS	KAKGQPREPQ
271	281	291	301	311	321
VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTPPV	LDSDGGSFFLY
331	341	351	361		
SKLTVVKSRW	QQGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSPGK		

6/18

**FIG. 5****FIG. 6**

7/18

**FIG. 7(A)****FIG. 7(B)**

8/18

## FIG. 8

1..... 11..... 21..... 31..... 41..... 51..... 61..... 71.....  
 CCGAGGTGCA GCTGGGGAG TCTGGGGAG GCTTGGTACA GCCTGGGGGG TCCCTGAGAC TCTCCCTGTGTC AGCCTCTGGAA  
 81..... 91..... 101..... 111..... 121..... 131..... 141..... 151.....  
 TTACACCTTA GCAGCTTAA CATGAGCTATGC CATGAGCTGG GTCCGCCAGG CTCCAGGGAA GGGCTGGAG TGGTCTCAG CTATTAGTGG  
 161..... 171..... 181..... 191..... 201..... 211..... 221..... 231.....  
 TAGTGGTGGT AGCACATACT ACGCAGACTC CGTGAAGGGC CGGTTCACCA TCTCCAGAGA CAATTCCAAG AACACGCTGT  
 241..... 251..... 261..... 271..... 281..... 291..... 301..... 311.....  
 ATCTGCAAT GAACAGGCCCTG AGAGCCGAGG ACACGGCCGGT GTATTACTGT GCAAGAGGCTG GTCGGTATTGTT GTTTGACTAT  
 321..... 331..... 341..... 351..... 361..... 371..... 381..... 391.....  
 TGGGCCAAG GTACCCCTGGT CACCGGTCTCG AGTGGTGGAG GCGGGTCAGG CGGAGGGGGC TCTGGGGTA GTGCACTTCA  
 401..... 411..... 421..... 431..... 441..... 451..... 461..... 471.....  
 GTCCTGTGCTG ACTCAGGCCAC CCTCAGGGTC TGGGACCCCCC GGGCAGAGGG TCACCATCTC TTGTTCTGGAA AGCAAGCTCCA  
 481..... 491..... 501..... 511..... 521..... 531..... 541..... 551.....  
 ACATCGGAAG TAATTATGTA TACTGGTACC AGCAGGCTCCC AGGAACGGCC CCCAAACTCC TCATCTATAG GAATAATCAG  
 561..... 571..... 581..... 591..... 601..... 611..... 621..... 631.....  
 CGGCCCTCAG GGGTCCCTGA CCGATTCTCT GGCTCCAAGT CTGGCACCTC AGCCTCCCTG GCCATCAGTG GGCTCCGGTC  
 641..... 651..... 661..... 671..... 681..... 691..... 701..... 711.....  
 CGAGGATGAG GCTGATTATT ACTGTGCAAGC ATGGGATGAC AGCCTGGTAT TCGGCGGAGG GACCAAGCTG ACCGTCCCTAG

9/18

FIG. 9

1..... 11..... 21..... 31..... 41..... 51..... 61..... 71.....  
 EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGGGGSTYY ADSVKGKGRFTI SRDNSKNTLY

81..... 91..... 101..... 111..... 121..... 131..... 141..... 151.....  
 LQMNSLRAED TAVYYCARAG RILFDYWGQG TLVTvSSGGG GSGGGGSGGS ALQSVLTQPP SASGTPGQRV TISCSGSSSN  
LINKER

161..... 171..... 181..... 191..... 201..... 211..... 221..... 231.....  
 IGSNYVYWWYQ QLPGTAPKLL IYRNQNQRPSG VPDRFSGSKS GTASASLAISG LRSEDEADYY CAAWDDSLVF GGGTKLTVLG

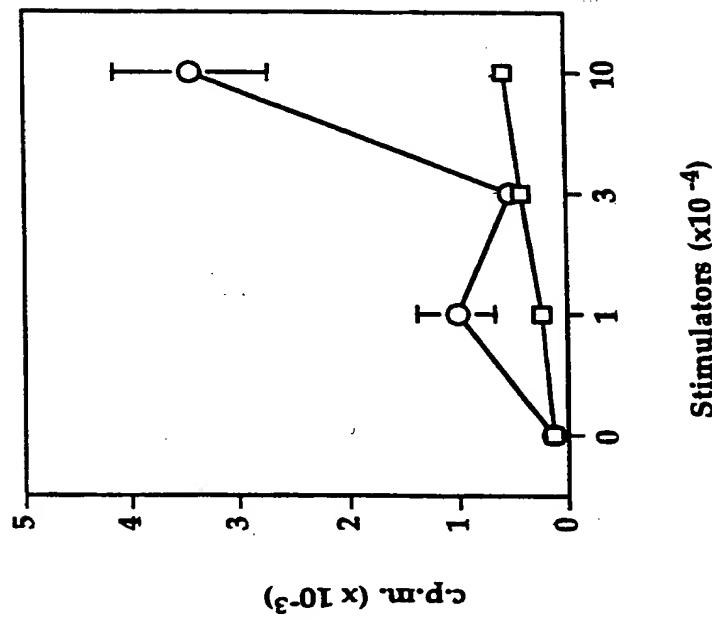


FIG. 13

10/18

**FIG. 10**

	10	20	30	40	50	60	
M1 sFv	CATGG-CGGAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGGGTOCCCTGAG						
M3 sFv	CATGG-CCCAGGTGCAGCTGCAGGAGTGGGCCCCAGGACTGGTGAAGGCCTTOGGAGACCCCTGTC						
M19 sFv	CATGG-CCCAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAGTGAA						
M24 sFv	CATGGGCCAGGTGCAGCTGTCAGTCTGCAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGAGTCCTCTGAA						
	70	80	90	100	110	120	
M1 sFv	ACTCTCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTACGCAGC--TA--TGCCAT--GAGCTGGGTCGGC						
M3 sFv	CCCTCACCTGCACGTCTCTGGTGGCTGGTACGGACTGGTAGTTACTACTGGAGCTGGATCCGG						
M19 sFv	GGTTTCTGCAAGGCATCTGGATACACCTTACCCAGC-----TACTATATGCACGGGTCGGA						
M24 sFv	GATCTCTGTAAAGGGTCTGGATACAGCTTACCCAGC-----TACTGGATCGGCTGGGTCGGC						
	130	140	150	160	170	180	190
M1 sFv	CAGGCTCCAGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGTAGCACATACT						
M3 sFv	CAGCCCCCAGGAAGGGACTGGAGTGGATT--GGGTAT-ATCTTATTACAGTGGAGCACCAACT						
M19 sFv	CAGGCCCCCTGGACAAGGGCTTGGAGTGGATGGAATAATCAACCCCTAGTGGTGGTAGCACAAAGCT						
M24 sFv	CAGATGCCCGGGAAAGGCCCTGGAGTGGATGGGATCATCTATCCTGGTACTCTGATACCAGAT						
	200	210	220	230	240	250	
M1 sFv	ACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGAGACAATTCCAAGAACACGGCTGTATCT						
M3 sFv	ACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGGAGTCACCATATCAGTAGACACCGTCCAAGAACCCAGTCTCCT						
M19 sFv	ACGCACAGAAGTTCAGGGCAGAGTCACCATGACCCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCACAT						
M24 sFv	ACAGCCCGTCCCTCAAGGCCAGGTCAACCATCTCAGCCGACAAGTCATCAGCACCGCTACCT						
	260	270	280	290	300	310	320
M1 sFv	GCAAATGAACAGCCTGAGAGGCCAGGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAGCTG-----GT						
M3 sFv	GAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAATGC-----GG						
M19 sFv	GGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAGTGGCTCCCTAT						
M24 sFv	GCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCCTGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGATT--TTCGCT-T						
	330	340	350	360	370	380	
M1 sFv	CGTATTTGTTGACTATTGGGCCAAGGTACCCCTGGTACCGTCACCGTCCTGGAGTGGTGGAGGCGGTT						
M3 sFv	AAGGATAAGTTGACTATTGGGCCAAGGTACCCCTGGTACCGTCACCGTCCTGGAGTGGTGGAGGCGGTT						
M19 sFv	GTGAATACGCTTGTGTTTGGGCCAAGGTACCCCTGGTACCGTCACCGTCCTGGAGTGGTGGAGGCGGTT						
M24 sFv	GGTGGT---TTTGACTATTGGGCCAAGGTACCCCTGGTACCGTCACCGTCCTGGAGTGGTGGAGGCGGTT						

11/18

390 | 400 | 410 | 420 | 430 | 440 |  
 M1 sFv CAGGGGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACCTCAGTCTGTGCTGACTCAG---CCACCCCTCAGC  
 M3 sFv CAGGGGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACCTCAGTCTGTGCTGACTCAG---CCACCCCTCAGC  
 M19 sFv CAGGGGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACCTTCTCTGAGCTGACTCAG---GACCCCTGCTGT  
 M24 sFv CAGGGGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACCTGACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCT  
 450 | 460 | 470 | 480 | 490 | 500 | 510 |  
 M1 sFv GTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTGTCTGGAACCGCTCCAAACATCGGAAGT  
 M3 sFv GTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTGTCTGGAACCGCTCCAAACATCGGAAGT  
 M19 sFv GTCTGTGGCCTTGGACAGACAGTCAGGATCACATGACAAGGAGACAGCCTCA-----GAAGC  
 M24 sFv GTCTGCATCTGTAGGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCC---GGGCAAGTCAGGGCATT---ACC  
 520 | 530 | 540 | 550 | 560 | 570 |  
 M1 sFv AATTATGTATACTGGTACCAAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCAAACTCCTCATCTATAGGAATA  
 M3 sFv AATTATGTATACTGGTACCAAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCAAACTCCTCATCTATAGGAATA  
 M19 sFv TATTATGCAAGCTGGTACCAAGCAGGAAGCCAGGACAGGCCCCCTGTACTTGTCTATGGTAAAAA  
 M24 sFv AGTTATTAGCCTGGTATCAGCAAAACCAGGGAAAGCCCCCTAACGCTCTGGCTATGCTGCA  
 580 | 590 | 600 | 610 | 620 | 630 | 640 |  
 M1 sFv ATCAGCGGCCCTCAGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCCTGGCACCTCAGCCTCCCT  
 M3 sFv ATCAGCGGCCCTCAGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCCTGGCACCTCAGCCTCCCT  
 M19 sFv ACAACCGGCCCTCAGGGATCCCAAGACCGATTCTCTGGCTCCAGCTCAGGAAACACAGCTCCCT  
 M24 sFv CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTAGCGGAGTGGATCTGGACAGAAATTCACTCT  
 650 | 660 | 670 | 680 | 690 | 700 |  
 M1 sFv GGCCATCAGTGGCTCCGGTCCGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCACCATGGGATGACAGC  
 M3 sFv GGCCATCAGTGGCTCCGGTCCGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCACCATGGGATGACAGC  
 M19 sFv GACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACTGTAACCTCCGGGACAGCA  
 M24 sFv CACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTITGAACCTTACTGTCA---ACAGCTTAATAGT  
 710 | 720 | 730 | 740 | 750 |  
 M1 sFv --CTG---GTATTGGGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTGC  
 M3 sFv --CTGT-TTGTATTGGGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTGCAGGGCGC  
 M19 sFv GGTTTTACTGTATTGGGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTGC  
 M24 sFv TACCGCTTGACGTTGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATC--AACAGTG---C

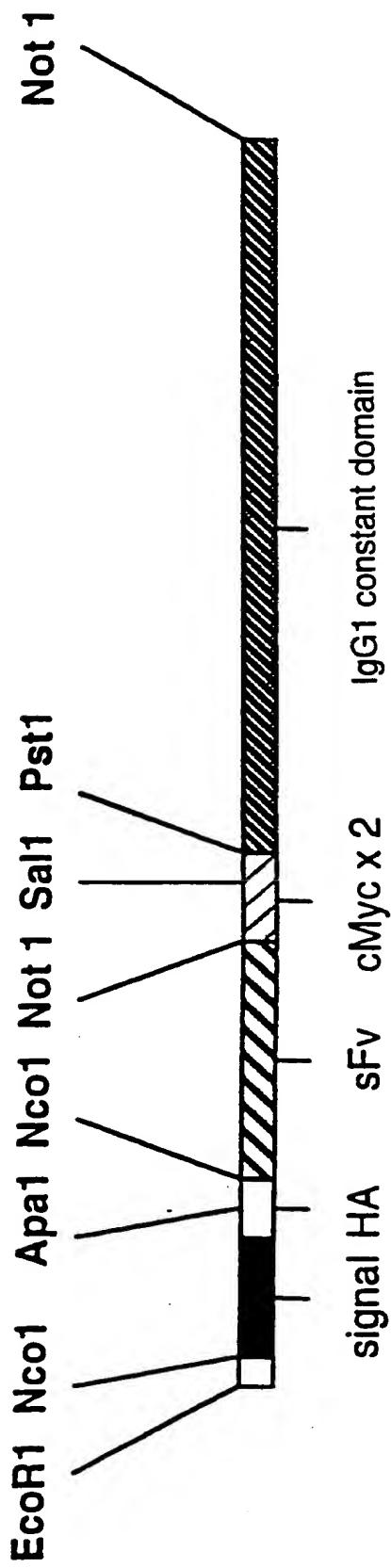
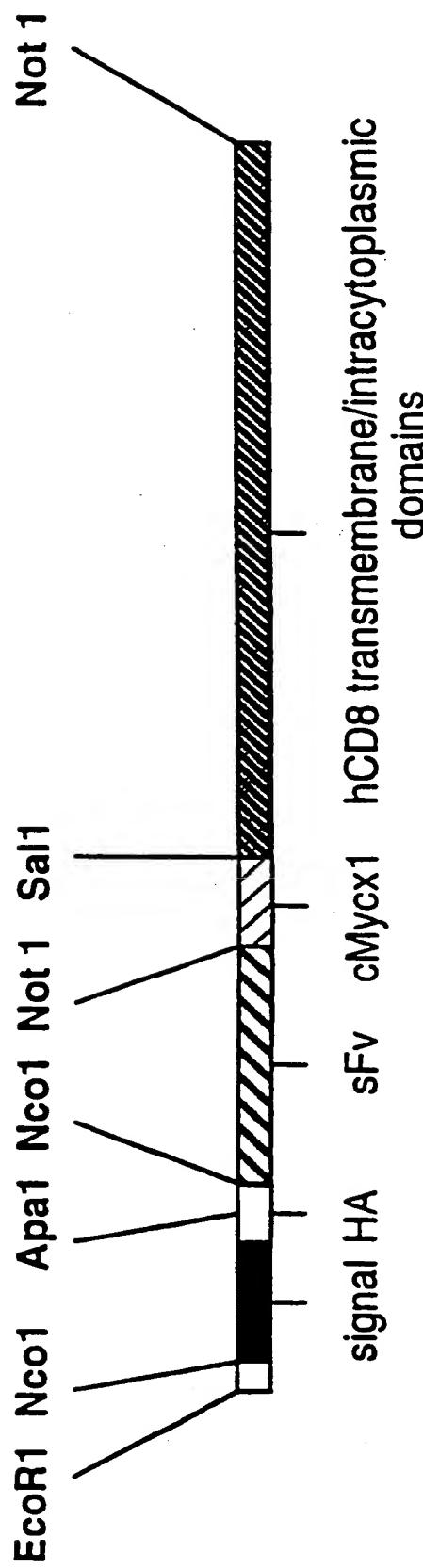
**FIG. 10 (CONTD.)**

12/18

FIG. 11

	10	20	30	40	50	60
M1 sFv Peptide	...	.	.	.	.	.
M3 sFv Peptide	.	.	.	.	.	.
M19 sFv Peptide	.	.	.	.	.	.
M24 sFv peptide	.	.	.	.	.	.
--EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG--FTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAISGSGG						
MAQVQLQESGPGLVKPSEIILSLTCIVSGGSVSSGSYWWSWIRQPPGKGLEWIGTYTYSG						
--QVQLVQSGAEVKRPGAVKVSCKASG--YTFITSYMMHWVRQAPGQGLEWVMIINPSGG						
--QVQLQSAAEVKKPGESLKIISCKGSG--YSFTSWIGWVRQMPGKGLEWVMIITYPGDS						
	70	80	90	100	110	120
M1 sFv Peptide	.	.	.	.	.	.
M3 sFv Peptide	.	.	.	.	.	.
M19 sFv Peptide	.	.	.	.	.	.
M24 sFv peptide	.	.	.	.	.	.
STYYADSVKGRFTIISDRDKNTLYLQMSLRAEDIATVYCARAGR--ILFDYWQGQTLVT						
STINYNPSLKSRSVTIISVDTSKNQFSIKLSSVTAADITAVYCARMRK--LKFDFYWQGQTLVT						
STISYAQKFQGRVIMTRDTISTIVYMEELSSLRSEDTAVYCARVAPVNLVFWGQGQTLVT						
DIRYSPSFQGQVTISAIKSISTAYLQWSSLKASDTAVYCARFS--LGGFDYWQGQTLVT						
	130	140	150	160	170	180
M1 sFv Peptide	.....	....	.. .	.. .	.. .	.. .
M3 sFv Peptide	.....	....	.. .	.. .	.. .	.. .
M19 sFv Peptide	.....	....	.. .	.. .	.. .	.. .
M24 sFv peptide	.....	....	.. .	.. .	.. .	.. .
VSSGGGGSGGGGSGGSALQSVLTQPPS-ASGTPGQRVITLSCSGSSSNIGSNVYVWYQQLP						
VSSGGGGSGGGGSGGSALQSVLTQPPS-ASGTPGQRVITLSCSGSSSNIGSNVYVWYQQLP						
VSSGGGGSGGGGSGGSALSSELTQDPA-VSVALGQIVRITCQGDS--LRSYYASWYQQLP						
VSSGGGGSGGGGSGGSALDIQLTQSPSTLSASVGRVITTCRASQG--ISSYIAWYQQLP						
	190	200	210	220	230	240
M1 sFv Peptide	... .	... .	... .	... .	... .	... .
M3 sFv Peptide	... .	... .	... .	... .	... .	... .
M19 sFv Peptide	... .	... .	... .	... .	... .	... .
M24 sFv peptide	... .	... .	... .	... .	... .	... .
GTAPKLLIYRNNQRPNGVDRFSGSKSGTASLAIISGLRSEDEADYYCAAWDDSL--VFG						
GTAPKLLIYRNNQRPNGVDRFSGSKSGTASLAIISGLRSEDEADYYCAAWDDSLF--VFG						
GQAPVLVLYGKNNRPNGVDRFSGSSSGNTASLITITGAQAEDEADYYCNSRDSSGFTVFG						
GKAPKLLVVAASLQSGVPSRFSGSGSGIEFTLITISLQPEDFATYYQQQLNSYRUT-FG						
	....					
M1 sFv Peptide	GGIKLTVLG					
M3 sFv Peptide	GGIKLTVLGAA					
M19 sFv Peptide	GGIKLTVLG					
M24 sFv peptide	QGIKLEI--KR					

13/18

**FIG. 12****FIG. 14**

14/18

**FIG. 15(A)**

-65 AGCTTCAGGA TCCTGAAAGG TTTTGCTCTA CTTCCCTGAAG ACCTGAACAC  
 -15 CGCTCCCATA AAGCCATGGC TTGCCTTGGA TTTCAGCGGC ACAAGGCTCA  
 36 GCTGAACCTG GCTACCAGGA CCTGGCCCTG CACTCTCCTG TTTTTCTTC  
 86 TCTTCATCCC TGTCTTCTGC AAAGCAATGC ACGTGGCCA GCCTGCTGTG  
 136 GTACTGGCCA GCAGCCGAGG CATGCCAGC TTTGTGTGTG AGTATGCATC  
 186 TCCAGGCCAA GCCACTGAGG TCCGGGTGAC AGTGCTTCGG CAGGCTGACA  
 236 GCCAGGTGAC TGAAGTCTGT GCGGCAACCT ACATGATGGG GAATGAGTTG  
 286 ACCTTCCTAG ATGATTCCAT CTGCACGGGC ACCTCCAGTG GAAATCAAGT  
 336 GAACCTCACT ATCCAAGGAC TGAGGGCCAT GGACACGGGA CTCTACATCT  
 386 GCAAGGTGGA GCTCATGTAC CCACCGCCAT ACTACCTGGG CATAGGCAAC  
 436 GGAACCCAGA TTTATGTAAT TGATCCAGAA CCGTGCCCCAG ATTCTGACTT  
 486 CCTCCTCTGG ATCCTTGCAG CAGTTAGTTG GGGGTTGTTT TTTTATAGCT  
 536 TTCTCCTCAC AGCTGTTCT TTGAGCAAAA TGCTAAAGAA AAGAAGCCCT  
 586 CTTACAACAG GGGTCTATGT GAAAATGCC CCAACAGAGC CAGAATGTGA  
 636 AAAGCAATT T CAGCCTTATT TTATTCCAT CAATTGAGAA TT

**FIG. 15(B)**

-30 -20 -10 1 11 21  
 MACLGFORHK AQLNLATRTW PCTLLFFLLF IPVFKAMHV AQPAVVLASS RGIAASFVCEY  
 \*

31 41 51 61 71 81  
 ASPGKATEVR VTVLRQADSO VTEVCAATYM MGNELTFLDD SICTGTSSGN QVNLTIQGLR

91 101 111 121 131 141  
 AMDTGLYICK VELMYPPPYY LGIGNGTQIY VIDPEPCPDS DFLLWILAAV SSGLFFYSFL  
 \*

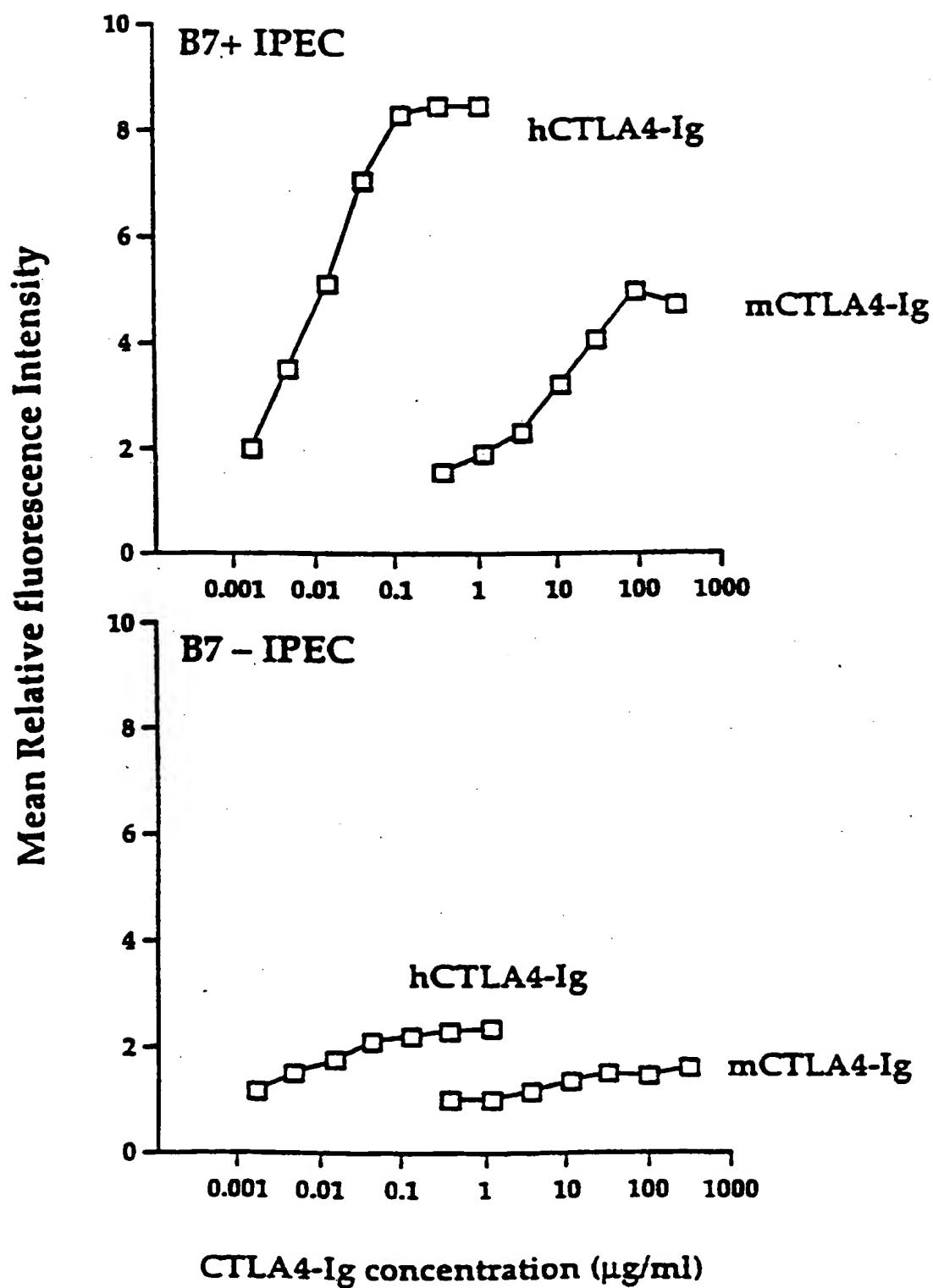
151 161 171 181  
 LTAVSLSKML KKRSPLTTEGV YVKMPPTEPE CEKQFQPYFI PIN  
 \*

15/18

**FIG. 16**

-36 AAGCTTCGAG CCAAGCAGCG TCCTGGGAG CGCGTCATGG CCTTACCA GT  
15 GACCGCCTTG CTCCTGCCGC TGGCCTTGCT GCTCCACGCC GCCAGGCCGA  
65 GCCAGTTCCG GGTGTCGCCG CTGGATCGGA CCTGGAACCT GGGCGAGACA  
115 GTGGAGCTGA AGTGCCAGGT GCTGCTGTCC AACCCGACGT CGGGCTGCTC  
165 GTGGCTCTTC CAGCCGCGCG GCGCCGCCGC CAGTCCCACC TTCCTCCTAT  
215 ACCTCTCCCA AAACAATCCC AAGGCGGCCA AGGGGCTGGA CACCCAGCGG  
265 TTCTCGGGCA AGAGGTTGGG GGACACCTTC GTCCTCACCC TGAGCGACTT  
315 CCGCCGAGAG AACGAGGGCT ACTATTTCTG CTCGGCCCTG AGCAACTCCA  
365 TCATGTACTT CAGCCACTTC GTGCCGGTCT TCCTGCCAGC GAAGCCCACC  
415 ACGACGCCAG CGCCGCGACC ACTAACACCG GCGCCCACCA TCGCGTCGCA  
465 GCCCCTGTCC CTGCGCCCAG AGGCGTGCAG GCGAGCGCG GGGGGCGCAG  
515 TGCACACGAG GGGGCTGGAC TTCGCCTGTG ATATCTACAT CTGGGCGCCC  
565 CTGGCCGGGA CTTGTGGGTT CCTTCTCCTG TCACTGGTTA TCACCCCTTA  
615 CTGCAACCAC AGGAACCGAA GACGTGTTG CAAATGTCCC CGGCCTGTGG  
665 TCAAATCGGG AGACAAGCCC AGCCTTCGG CGAGATACT GT CTAACCCGT  
715 GCAACAGCCA CTACATGAAT TCC

16/18

**FIG. 17**

17/18

FIG. 18

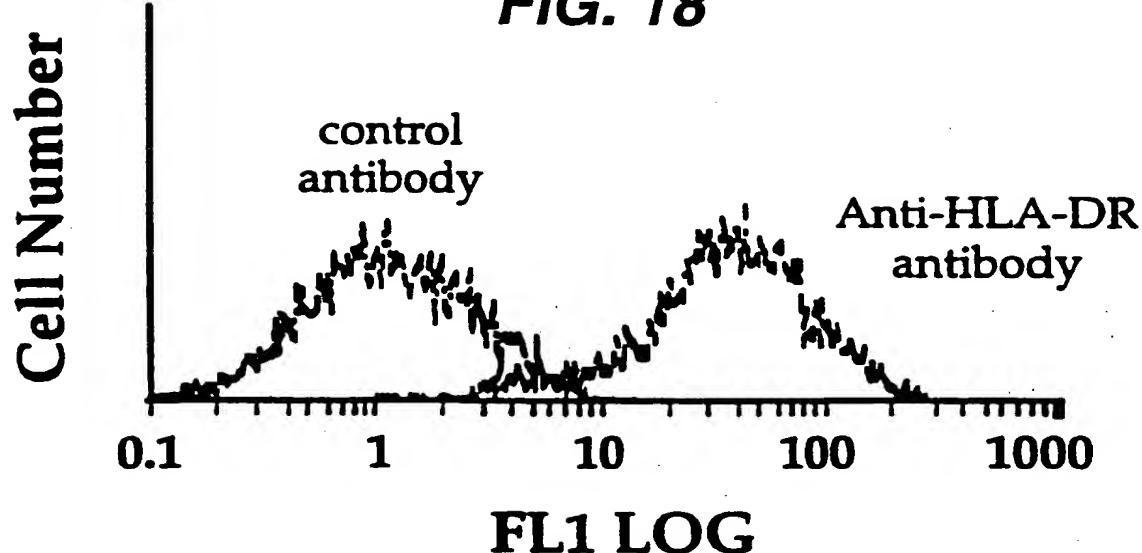
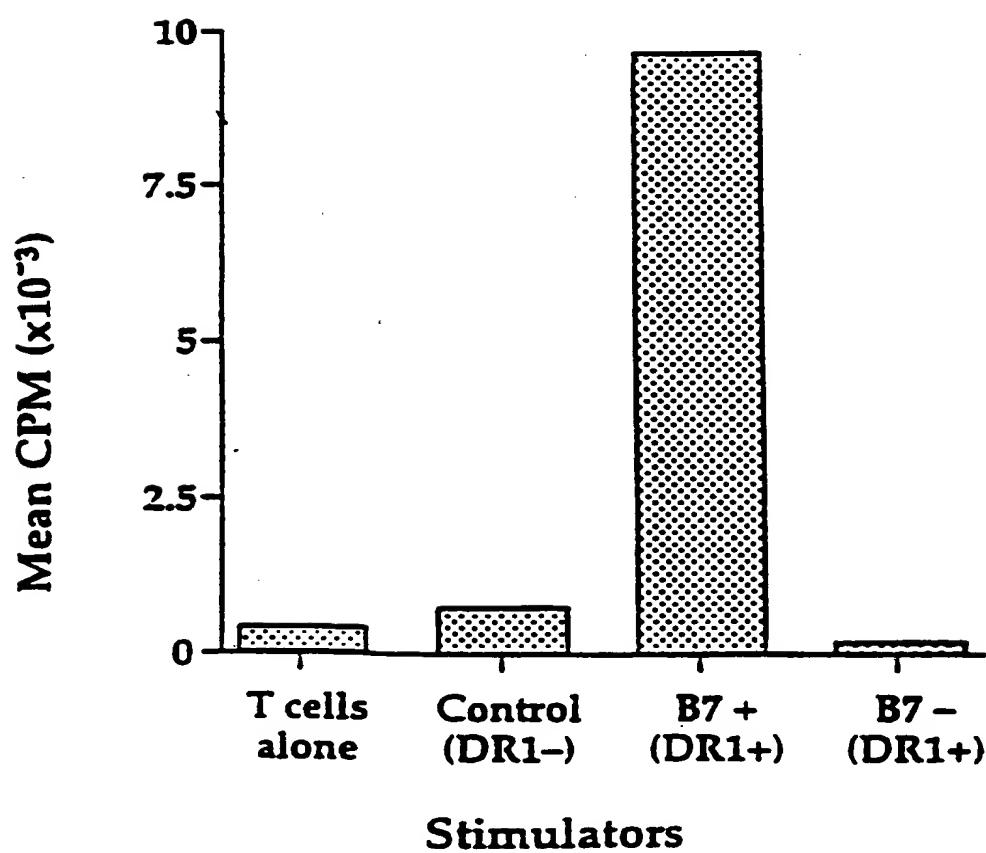
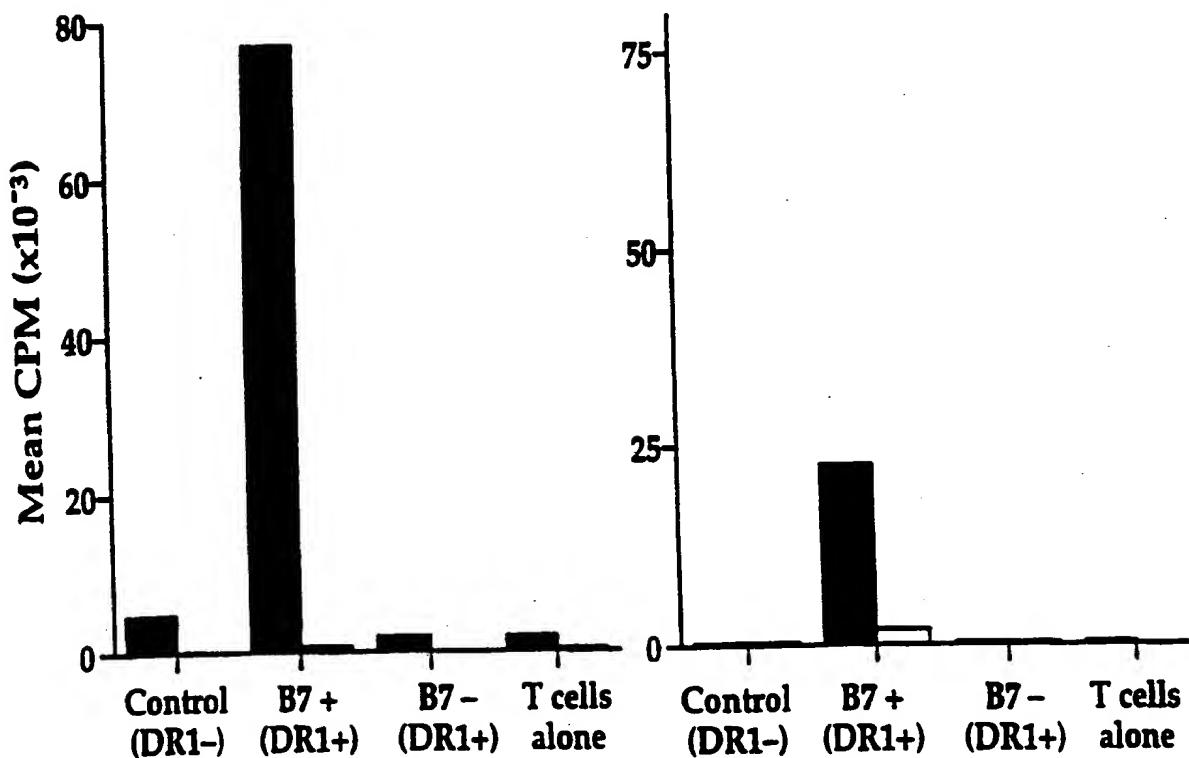


FIG. 19



18/18

**FIG. 20****FIG. 21**